Abstrakt

Acinetobacter baumannii je významný nemocniční patogen charakterizovaný schopností získávat a vyvíjet komplexní rezistenci k antimikrobním látkám. Na této schopnosti se zásadně podílejí efluxové systémy, které odstraňují molekuly antibiotik z intracelulárního prostoru bakterie. AdeABC je chromozomální efluxový systém typu RND, který je specifický pro *A. baumannii* a vyznačuje se širokým substrátovým spektrem. V této práci jsme se zaměřili na funkční analýzu systému AdeABC s cílem definovat jeho roli při vzniku rezistence k aminoglykozidům u geneticky odlišných kmenů. Východiskem byl soubor 15 epidemiologicky a genotypově definovaných kmenů *A. baumannii*, které byly plně citlivé k aminoglykozidům a dalším antibiotikům primárně účinným na tento druh. U těchto kmenů jsme určili genotyp AdeABC a v přítomnosti netilmicinu selektovali rezistentní varianty. Pomocí kvantitativní RT-PCR jsme porovnali expresi transportérového genu *adeB* u původně citlivých kmenů a selektovaných variant. Získané výsledky potvrzují, že zvýšená exprese AdeABC významně snižuje citlivost k aminoglykozidům a dalším antibiotikům, a naznačují, že tento systém poskytuje nemocničním kmenům *A. baumannii* významnou selekční výhodu.